

基于 SSR 标记的 148 份玉米自交系亲缘关系分析

李庆锋, 任雪娇, 许 赢, 叶春旺, 王瑞鑫, 张 淼, 慈佳宾, 姜良宇, 杨伟光

(吉林农业大学, 长春 130118)

摘 要: 利用 40 对核心 SSR 标记分析 148 份玉米自交系的遗传多样性与亲缘关系。结果表明, 40 对核心 SSR 标记在 148 份玉米自交系中共检测出 136 个等位变异, 每个 SSR 标记得出的等位变异总数为 2~6 个, 平均 3.4 个; 有效等位基因数(N_e)变幅为 1.232 3~5.005 0, 平均 2.393 9; 基因多样性变幅为 0.188 5~0.800 2, 平均为 0.525 2; 引物的多态性信息含量(PIC)变幅为 0.178 1~0.770 5, 平均 0.461 7。利用 UPGMA 聚类法将 148 份玉米自交系划分为 Reid、旅大红骨、PB、Lancaster、塘四平头、中间类群, 共 6 个类群, 其中, 主要以 Reid、旅大红骨、PB、Lancaster 和塘四平头这 5 个类群为主, 种群的划分与系谱基本吻合。

关键词: 玉米; SSR 标记; 亲缘关系分析; 聚类分析

中图分类号: S513.035.1

文献标识码: A

Genetic Relationship Analysis of 148 Maize Inbred Lines Based on SSR Molecular Markers

LI Qing-feng, REN Xue-jiao, XU Ying, YE Chun-wang, WANG Rui-xin, ZHANG Miao,

CI Jia-bin, JIANG Liang-yu, YANG Wei-guang

(Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

Abstract: Forty core SSR markers were used to explore the genetic diversity and genetic relationship of 148 maize inbred lines. The results indicated that, a total of 136 allelic variations were detected across the 148 maize inbred lines using the 40 core SSR markers, with each marker exhibiting 2 to 6 alleles and an average of 3.4 alleles. The effective number of alleles(N_e) was 1.232 3 to 5.005 0, with an average of 2.393 9. The gene diversity ranged from 0.188 5 to 0.800 2, with an average of 0.525 2. The polymorphic information content(PIC) of SSR markers was between 0.178 1 and 0.770 5, with an average of 0.461 7. By UPGMA cluster analysis method, 148 maize inbred lines were divided into 6 major groups, which were named Reid, Luda Red Cob, PB, Lancaster, Sipingtou, and uncertain group. The division of populations largely aligned with the 5 principal groups of Reid, Luda Red Cob, PB, Lancaster, and Sipingtou, reflecting a fundamental agreement with the genealogy.

Key words: Maize; SSR marker; Phylogenetic analysis; Cluster analysis

玉米在我国粮饲、工业原料方面均占有重要地位, 是我国重要作物之一^[1,2]。杂种优势的利用可大幅提高玉米产量和改良品质, 是玉米育种的首要技术^[3]。合理划分自交系的类群, 选用遗传变异丰富

的玉米种质资源才能合理地选配亲本以及改良特定的优良种质^[4]。国内玉米自交系原始材料来源复杂, 导致自交系血缘关系混杂, 依据地理来源划分玉米自交系杂种优势群有明显的局限性。在进行组配时, 双亲的亲缘关系越近, 遗传差异越小, 杂种优势越弱; 双亲的亲缘关系越远, 遗传差异越大, 杂种优势越强。由于国内自交系来源复杂, 亲缘关系并不明确, 因此对玉米自交系的亲缘关系进行梳理和鉴定成为一种有效、必要的辅助育种手段^[5]。

传统形态学的品种检测容易受环境因素的干扰, 很难在同一时期准确分辨出数百个品种。随着分子生物技术的发展, 分子标记技术在植物育种中的应用和研究日益广泛^[6], RFLP、RAPD、AFLP、SSR

录用日期: 2023-03-03

基金项目: 吉林省科技发展计划项目(20210202005NC)、国家级大学生创新创业训练计划项目(202210193001, 202210193005)、吉林农业大学 2023 年本科生科技创新基金项目“玉米外引自交系抗大斑病鉴定研究”、吉林省教育厅科学技术研究项目(JJKH20230396KJ)

作者简介: 李庆锋(1995-), 硕士, 研究方向为作物遗传育种。

E-mail: 710111511@qq.com

姜良宇和杨伟光为本文通信作者。

等标记手段均已被应用于玉米同源性分析中^[7,8]。SSR标记技术作为一种共显性标记,具有多态性好、快捷、重复性高等优点,已成为目前应用较为广泛的分子标记之一^[9]。李新海等利用64对SSR标记将70份自交系分为PA、PB、BSSS、Lancaster、塘四平头、旅大红骨6个类群^[10]。刘志斋等利用40对核心SSR标记技术将820份自交系分为Lancaster、旅大红骨、塘四平头、Reid与P群5个类群^[11]。王风格等采用40对SSR核心引物构建了3998份玉米审定品种的DNA指纹图谱。战超等使用20对核心引物和筛选出的10对SSR引物,将259份玉米自交系划分为Reid、旅大红骨、塘四平头、Lancaster、自330亚群5个类群,划分结果与系谱来源基本吻合。利用SSR标记对玉米材料进行亲缘关系梳理和类群划分是可行的,但不同研究选用的供试材料、SSR标记类型、

数量、聚类系数、方法均有差异,同一品种被划分到不同类群的情况也有发生,仍需要更多实验结果进行参考比对。

近年来育种行业发展迅速,玉米品种种质资源与日俱增,但同时“一品多名、一名多品”的现象也经常出现,对玉米种质亲缘关系的分析和掌握,在玉米种质创新和应用工作中具有重要意义。本实验采用中华人民共和国农业行业标准(NY/T1432—2014《玉米品种鉴定技术规程SSR标记法》)的40对SSR标记对148份自交系进行亲缘关系分析,为育种研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为148份玉米自交系(表1)。

表1 供试自交系
Table 1 Tested inbred line

序号 Number	材料 Inbred line	序号 Number	材料 Inbred line	序号 Number	材料 Inbred line	序号 Number	材料 Inbred line
1	外引材料1	38	TCB01	75	B73	112	J1018-绿
2	外引材料2	39	16S6	76	1L121	113	CF188
3	外引材料3	40	KWCB1	77	1L122	114	WC009
4	外引材料4	41	KWMM31	78	郑58	115	1L259
5	外引材料5	42	1L71	79	L239	116	P138
6	外引材料6	43	1L72	80	J1255	117	X178
7	外引材料7	44	1L73	81	PH6WC	118	获白
8	外引材料8	45	1L74	82	J1590	119	DS-4
9	外引材料9	46	1L75	83	1595	120	齐318
10	外引材料10	47	1L77	84	J1598	121	齐319
11	666	48	1L78	85	J1072	122	铁7922
12	1L2	49	XL21	86	PHJEV	123	沈137
13	京24	50	D1798Z	87	A311	124	E28
14	昌7-G	51	HCL645	88	J1207	125	H21
15	安昌7	52	R1922Z	89	J1146	126	黄C
16	1L6	53	1L83	90	PH2VK	127	掖478
17	昌7-2	54	G4675Z	91	PH09B	128	中451
18	798-1	55	F0147Z	92	PH1CPS	129	8902
19	浚92-8	56	KWS49	93	PH2GAA	130	沈农92-67
20	A87	57	KW5G321	94	1L185	131	掖107
21	1L13	58	6F576	95	LPMD72	132	掖52106
22	黄早4	59	1L92	96	HRK110	133	4F1
23	哲5917	60	1L93	97	HM12111	134	中134
24	K10	61	J1791	98	吉V203	135	1L1773
25	PHPMO	62	KW9F576	99	521	136	桦94
26	PH5AD	63	1L96	100	1L193	137	DS-26
27	Mo17	64	R11012	101	四-144	138	吉963
28	PH2P8	65	R0102	102	1L195	139	DH14
29	丹1324	66	M5972	103	J1371	140	E006
30	4CV-P	67	J1828	104	铁0322	141	外引材料11
31	B12	68	1L113	105	W22-1	142	外引材料12
32	J1585	69	2L1533	106	PH207	143	外引材料13
33	J1630	70	何9818	107	1L202	144	外引材料14
34	J1633	71	丹3140	108	RP06	145	外引材料15
35	M1632	72	辽3336	109	RP86	146	外引材料16
36	J1825	73	1L118	110	S122	147	丹340
37	6S4-25	74	1L119	111	J1018-黄	148	J1898

1.2 实验方法

1.2.1 DNA提取

取新鲜叶片,液氮冷冻后在自动磨样机上研磨,采用TIANGEN 高效植物基因组 DNA 提取试剂盒 DP350 提取基因组 DNA,利用 IMPLEN NanoPhotometer-N60 微量分光光度计将 DNA 样品浓度稀释至 20 ng/ μ L,放在-20℃冰箱中保存备用。

1.2.2 PCR 扩增

20 μ L PCR 反应体系:模板 DNA 1 μ L、dNTP 0.2 μ L、10 $\times$ Taq buffer 2 μ L、Taq DNA 聚合酶 0.3 μ L、正反引物各 0.5 μ L、ddH₂O 15.5 μ L。

PCR 扩增程序:95℃预变性 5 min;94℃变性 45 s,60℃退火 30 s,72℃延伸 80 s,共进行 30 个循环;72℃延伸 10 min,扩增产物于 4℃保存待用。

1.2.3 聚丙烯酰胺凝胶电泳

使用变性聚丙烯酰胺凝胶电泳(7%)。每个加样孔加入 5 μ L PCR 产物,在恒功率 30 W 下电泳大约 1.5 h。电泳结束后,凝胶用蒸馏水冲洗,在 0.1% AgNO₃ 染色液中浸泡 10 min,染色后快速用水冲洗 1 次,在显色液中显影至条带清晰为止。取出后用水冲洗,在白炽灯下观察电泳结果进行数据统计和照相。

1.2.4 数据统计分析

引物在相同迁移率位置上,按照有清晰条带记为 1,没有条带的记为 0,缺失记为 9 的统计方法录入数据,建立 0/1 矩阵。用 NTSYS-pc2.1 软件 DICE 系数法计算遗传相似系数,获得遗传距离矩阵,以非加

权类平均法(UPGMA)进行聚类分析,构建树状聚类图,并进行主坐标分析,绘制二维、三维空间聚类图。采用 Popgene32 软件计算有效等位基因数。使用 PowerMarkerV3.25 计算等位基因数、多态性信息含量 PIC (poly morphism information content)值和基因多样性指数^[12]。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记的多态性

40 对核心 SSR 标记在 148 份供试材料中检测出 136 个等位基因,每个标记检测出的等位基因个数为 2~6 个,平均每对引物检测出 3.4 个。等位基因个数最多的引物是 umc2105k3、umc1705w1、bnlg249k2、umc2084w2,检测出 6 个等位基因;等位基因个数最少的引物是 bnlg439w1、umc2007y4、bnlg1940k7、phi072k4、umc1125y3、bnlg240k1、phi065k9、umc1492y13、umc1999y3、umc1231k4,均检测出 2 个等位基因。有效等位基因数(Ne)为 1.232 3~5.005 0,平均 2.393 9,有效等位基因数最高的为 umc1705w1;有效等位基因数最低的是 phi041y6。基因多样性指数为 0.188 5~0.800 2,平均为 0.525 2,基因多样性指数最高的是 umc1705w1;基因多样性指数最低的是 phi041y6。多态性信息含量 PIC 的变化在 0.178~0.771,平均多态性信息含量 0.461,多态性信息含量最大的引物是 umc1705w1;多态性信息含量最小的是 phi041y6。在 40 对引物中,有 18 对引物的 PIC>0.5,22 对引物 PIC<0.5(表 2)。

表 2 40 对核心标记在 148 份玉米自交系之间遗传多样性统计结果
Table 2 Summary of genetic diversity of 40 SSRs markers detected in 148 maize inbred lines

标 记 Marker	引物名称 Primer	染色体 Bin.	等位基因数 Allele No.	基因多样性指数 Gene diversity	有效等位基因数 Effective number of alleles	多态性信息含量 PIC
P1	bnlg439w1	1.03	2	0.368 2	1.582 7	0.300 4
P2	umc1335y5	1.06	3	0.398 1	1.661 4	0.363 6
P3	umc2007y4	2.04	2	0.239 2	1.314 4	0.210 6
P4	bnlg1940k7	2.08	2	0.398 8	1.663 2	0.319 2
P5	umc2105k3	3.00	6	0.782 0	4.586 4	0.747 7
P6	phi053k2	3.05	4	0.651 6	2.870 5	0.580 9
P7	phi072k4	4.01	2	0.277 8	1.384 6	0.239 2
P8	bnlg2291k4	4.06	3	0.608 5	2.554 0	0.525 3
P9	umc1705w1	5.03	6	0.800 2	5.005 0	0.770 5
P10	bnlg2305k4	5.07	5	0.736 3	3.792 1	0.690 0
P11	bnlg161k8	6.00	5	0.744 8	3.918 2	0.706 4
P12	bnlg1702k1	6.05	3	0.629 2	2.697 0	0.557 3
P13	umc1545y2	7.00	4	0.529 4	2.125 1	0.457 5
P14	umc1125y3	7.04	2	0.473 6	1.899 7	0.361 5

续表2 Continued 2

标 记 Marker	引物名称 Primer	染色体 Bin.	等位基因数 Allele No.	基因多样性指数 Gene diversity	有效等位基因数 Effective number of alleles	多态性信息含量 PIC
P15	bnlg240k1	8.06	2	0.383 4	1.621 7	0.309 9
P16	phi080k15	8.08	3	0.520 7	2.086 2	0.452 5
P17	phi065k9	9.03	2	0.436 5	1.774 7	0.341 2
P18	umc1492y13	9.04	2	0.500 0	2.000 0	0.375 0
P19	umc1432y6	10.02	4	0.315 5	1.461 0	0.286 9
P20	umc1506k12	10.05	3	0.422 2	1.730 8	0.380 7
P21	umc1147y4	1.07	3	0.289 8	1.408 0	0.255 0
P22	bnlg1671y17	1.10	4	0.728 5	3.683 8	0.680 1
P23	phi96100y1	2.00	4	0.637 1	2.755 2	0.565 6
P24	umc1536k9	2.07	3	0.647 4	2.836 2	0.574 1
P25	bnlg1520K1	2.09	3	0.589 9	2.438 5	0.504 1
P26	umc1489y3	3.07	3	0.268 5	1.367 0	0.240 6
P27	bnlg490y4	4.04	3	0.666 6	2.999 4	0.592 5
P28	umc1999y3	4.09	2	0.495 4	1.981 8	0.372 7
P29	umc2115k3	5.02	4	0.644 8	2.815 2	0.583 0
P30	umc1429y7	5.03	3	0.550 9	2.226 6	0.456 8
P31	bnlg249k2	6.01	6	0.649 0	2.848 9	0.585 0
P32	phi299852y2	6.07	4	0.600 5	2.502 8	0.542 6
P33	umc2160k3	7.01	4	0.663 7	2.973 6	0.601 1
P34	umc1936k4	7.03	3	0.387 2	1.631 8	0.330 5
P35	bnlg2235y5	8.02	4	0.368 6	1.583 9	0.312 2
P36	phi233376y1	8.09	3	0.541 9	2.182 9	0.482 0
P37	umc2084w2	9.01	6	0.737 2	3.804 6	0.693 9
P38	umc1231k4	9.05	2	0.500 0	1.999 8	0.375 0
P39	phi041y6	10.00	3	0.188 5	1.232 3	0.178 1
P40	umc2163w3	10.04	4	0.637 2	2.756 0	0.566 2
Mean	—	—	3.4	0.525 2	2.393 9	0.461 7

2.2 遗传相似系数分析

根据得到的0/1矩阵计算148份玉米自交系间的遗传相似系数,结果显示,遗传相似系数在0.176 4~1,平均遗传相似系数为0.474 4。其中0.2以下有6次,占总数的0.06%;0.2~0.3为392次,占总数的3.60%;0.3~0.4为2 652次,占总数的24.38%;0.4~0.5为4 378次,占总数的40.25%;0.5~0.6为2 272次,占总数的20.89%;0.6~0.7为725次,占总数的6.66%;0.7~0.8为278次,占总数的2.56%;0.8~0.9为107次,占总数的0.98%;0.9~1为68次,占总数的0.63%(图1)。XL21和D1798Z、HCL645和1L83、1L121和1L122、J1255和PH6WC、J1590和J1598、J1255和A311和PH6WC、PH09B和PHJEV遗传相似系数最高,说明这些自交系每组之间遗传背景相近。外引系7和B73、6S4-25和沈农92-67的遗传相似系数为0.176 4;E28和HCL645的遗传相似系

数为0.186 6;桦94和6S4-25的遗传相似系数为0.189 1;外引材料15和RP86的遗传相似系数为0.193 5;1L83和E28的遗传相似系数为0.197 1,这些自交系每组之间遗传相似系数小,说明遗传背景差异较大。

2.3 148份自交系的类群划分

根据遗传相似系数,利用UPGMA法对148份玉米自交系进行聚类分析,结果将148份自交系划分成6个类群(图2)。第Ⅰ类群中含有B73、PH6WC、掖478等,为Reid群,共计49份自交系,占总数的33.1%;第Ⅱ类群中包含丹340等,为旅大红骨群,共计21份自交系,占总数的14.2%;第Ⅲ类群含有X178、齐318、P138、沈137等,为PB群,共计14份自交系,占总数的9.5%;第Ⅳ类群包含PHPMO、Mo17、PH5AD、4CV-P等自交系,为Lancaster群,共计45份自交系,占总数的30.4%;第Ⅴ类群包含昌7-2、黄早四

等自交系,为塘四平头群,共计17份自交系,占总数的11.5%;第Ⅵ类群中的自交系未能明确地划分到其他5个类群,为中间类群,由2份自交系组成,占总数的1.3%。

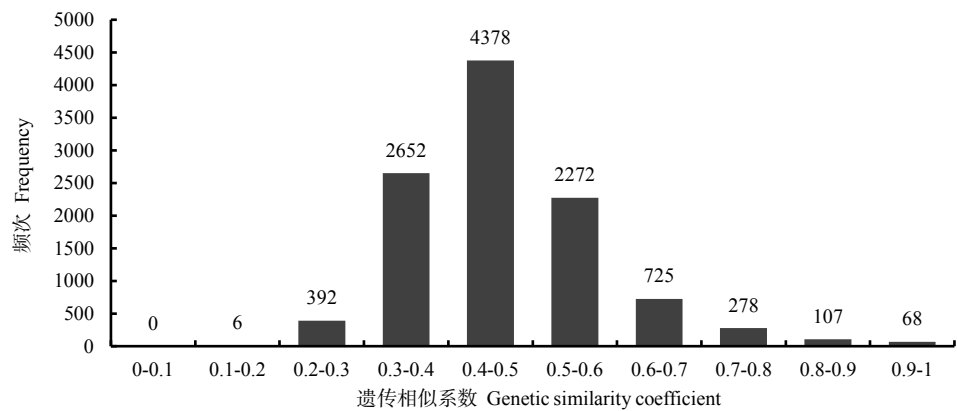


图1 148份玉米自交系之间的遗传相似系数分布
Fig.1 Distribution of genetic similarity coefficients among 148 maize inbred lines

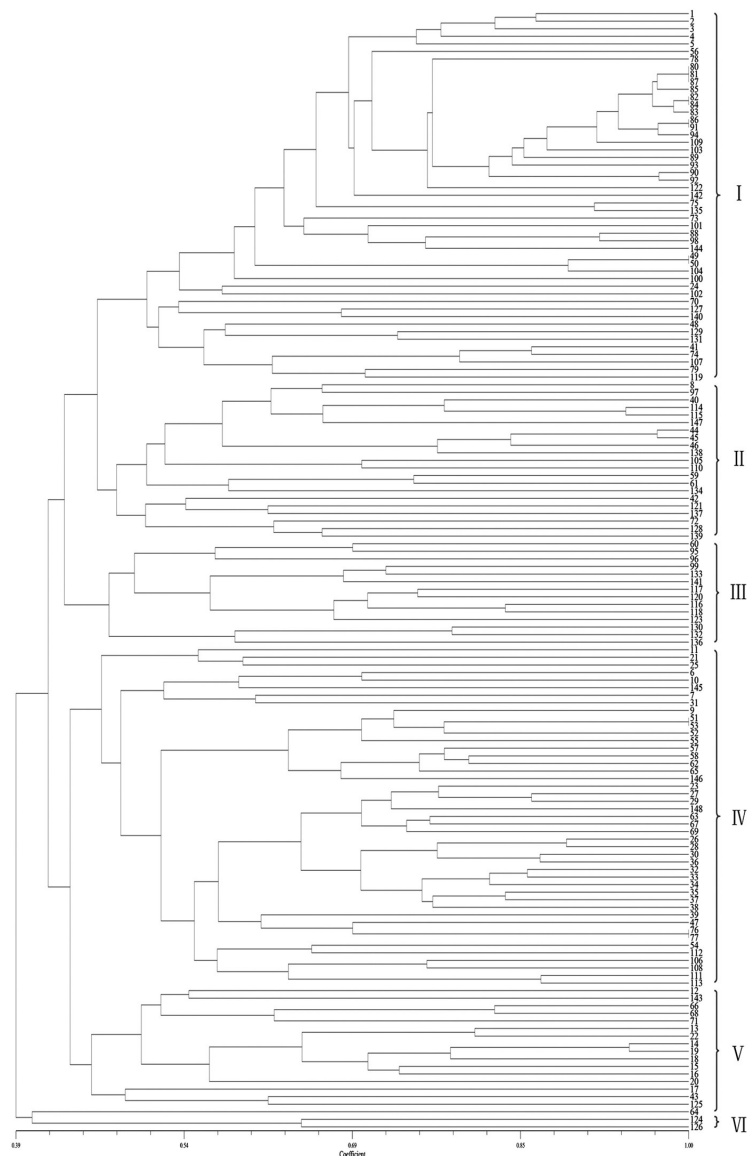


图2 供试自交系的UPGMA聚类图
Fig.2 The UPGMA tree for tested inbred lines

2.4 148份自交系的主坐标分析

根据148份自交系的遗传相似系数进行主坐标分析,由3个贡献率分别为17.107%、8.598%、5.163%的主坐标分别做出二维、三维主坐标分析图。根据二维图中各点的分布情况可见(图3),第I

类群(Reid群)与第IV类群(Lancaster群)的划分较为明显,且第I类群(Reid群)中大部分自交系距离其他类群距离相对较远。第IV类群(塘四平头群)集中度较差,自交系较为分散,其中,黄早四与昌7-2距离较远。第I类群(Reid群)中的小部分自交系、第

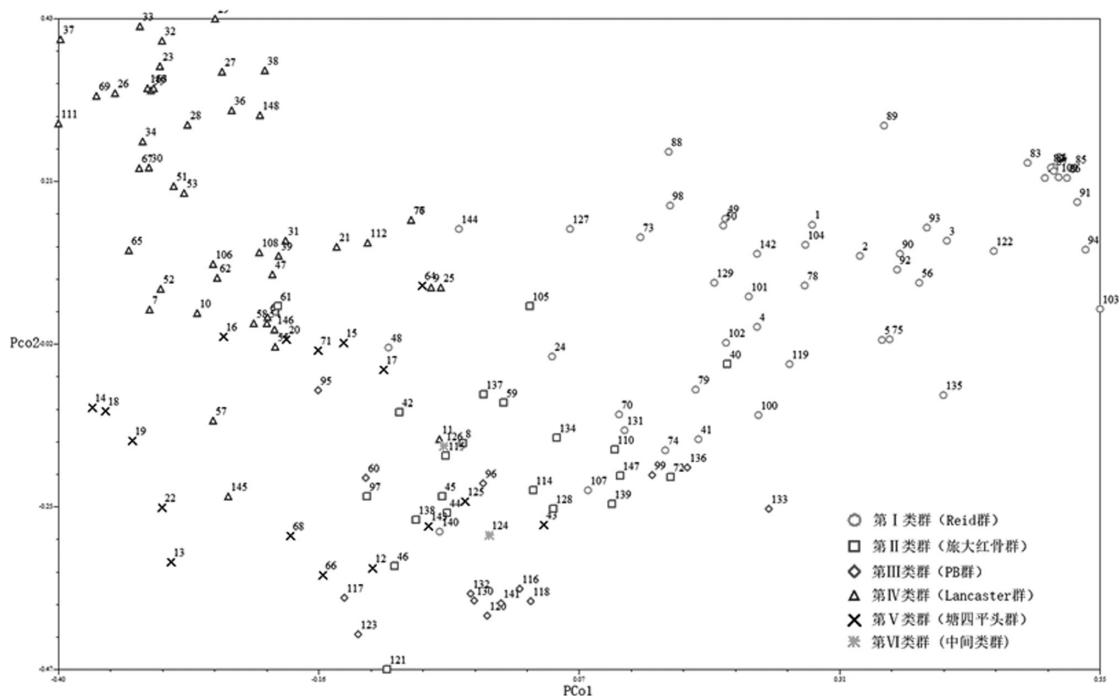


图3 148份玉米自交系的二维主坐标分析图

Fig.3 2D principal coordinate analysis(PCoA) of 148 maize inbred lines

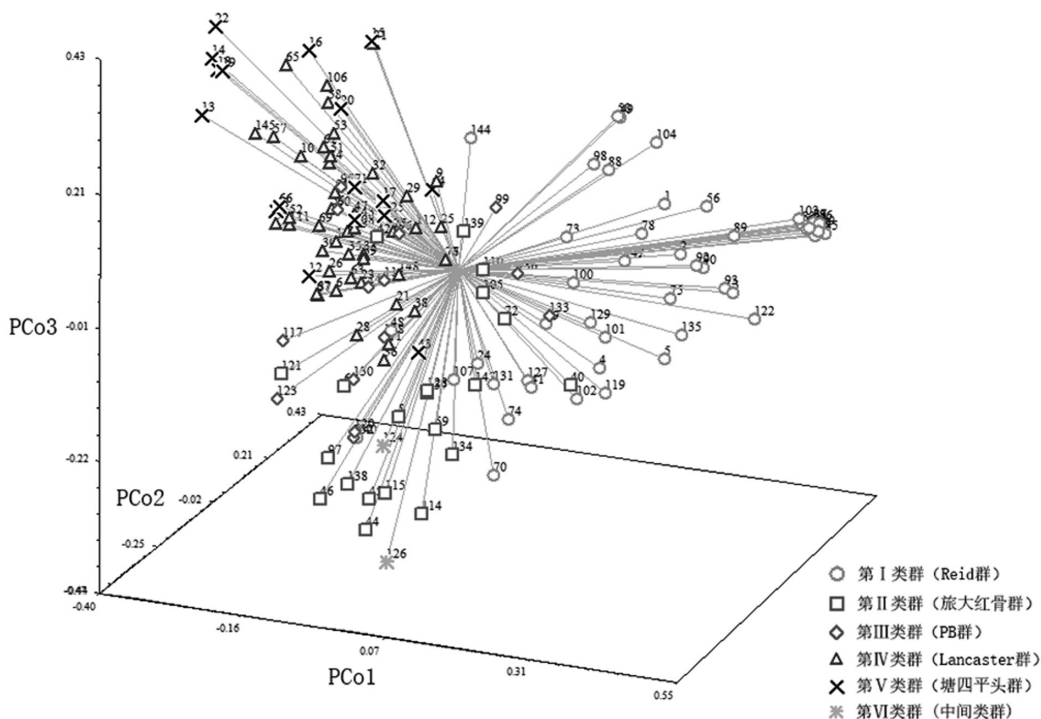


图4 148份玉米自交系的三维主坐标分析图

Fig.4 3D principal coordinate analysis(PCoA) of 148 maize inbred lines

Ⅱ类群(旅大红骨群)、第Ⅲ类群(PB群)3个类群之间存在相交,其相交区域内的品种在遗传进化上可能比较接近。

三维图能更好地对148份玉米自交系进行划分(图4),在由1、2主坐标的基础上加入3主坐标,图中可清楚分辨第Ⅰ类群(Reid群)、第Ⅱ类群(旅大红骨群)、第Ⅲ类群(PB群)、第Ⅳ类群(Lancaster群)、第Ⅴ类群(塘四平头群)这5个类群。第Ⅰ类群(Reid群)、第Ⅲ类群(PB群)、第Ⅳ类群(Lancaster群)、第Ⅴ类群(塘四平头群)与1、2主坐标组成的平面距离较远。由图4所示,第Ⅰ类群(Reid群)与Ⅳ类群(Lancaster群)、第Ⅴ类群(塘四平头群)的距离较远。在聚类分析中未能明确地划分到5大类群的两个自交系E28和黄C在图3、图4中距离第Ⅱ类群(旅大红骨群)十分接近,可能与之亲缘关系较近。对比图2、图3、图4得出,主坐标分析结果与聚类分析的结果基本上一致,并且主坐标分析可从不同的方向和层面更直观地显示各自交系、类群之间的关系。

3 结论与讨论

3.1 SSR标记分析

本研究利用变性聚丙烯酰胺电泳,使用40对核心SSR标记对148份玉米自交系进行分析,在148份玉米自交系中检测到136个等位基因变异,得到的平均等位基因数为3.4个,基因多样性指数在0.188 5~0.800 2,平均为0.525 2,这些结果表明,148份玉米材料具有相对丰富的遗传变异。多态性信息量为0.461 7,说明所用SSR标记多态性处于中等水平,能够较为真实地反映供试玉米自交系之间的亲缘关系^[13]。本研究所用的40对核心SSR标记是北京农林科学院玉米研究中心经过反复筛选与鉴定所设计的特别适于我国玉米自交系研究的一套核心标记,这些标记具有良好的稳定性与多态性,且部分标记与农艺性状连锁,现为中华人民共和国农业行业标准《玉米品种鉴定技术规程 SSR标记法》的40对核心引物,已广泛应用于我国玉米资源指纹构建及遗传结构分析,通用性强,实验结果的可比性较好^[14]。

3.2 杂种优势利用

我国玉米种质主要源于Reid群、Lancaster群、旅大红骨群、塘四平头群和其他杂种优势群五大优势群。从本研究结果来看,Reid群、PB群、旅大红骨群之间亲缘关系接近的材料较多,在这些类群之间选择组合时需要精确地挑选亲本材料。Reid群与Lancaster群和塘四平头群整体遗传距离较远,以

Reid×Lancaster和Reid×塘四平头的传统杂种优势模式依然是可行的,但其中也有部分个体之间存在亲缘关系较近的情况,根据亲缘关系分析结果选择合适的组合可以增加组配的精确性。新杂种优势模式的构建是简化杂种优势类群,将杂种优势群划分为Reid、Non-Reid和Dom,3个优势群构成三角形的杂种优势模式。由于母本自身性状优良的特点,后发展为Reid/Non-Reid和Reid/Dom模式,这样就非常需要优良实用的品种进行对比。因此,除了目前我国常用的标准测验种B73、掖478、丹340、齐319、Mo17、黄早四以外,还选择了目前生产上主推品种的亲本自交系,包括郑单958的母本材料郑58、郑单958的父本材料昌7-2、先玉335的母本材料PH6WC、先玉335的父本材料PH4CV、先玉508的父本材料PH5AD等作为对比材料加入研究中,从而方便进行针对性的分析。

3.3 亲缘关系分析

本研究利用SSR标记技术,将包括外引材料、自选材料、组配常用自交系、国内标准测验自交系在内的148份亲缘关系复杂自交系划分为Reid群、旅大红骨群、PB群、Lancaster群、塘四平头群、中间类群6个类群。为了更加清晰直观地展示各类群之间的相互关系,基于遗传相似系数和聚类结果对148个玉米自交系进行主坐标分析。在聚类分析中,部分结果与供试玉米自交系的系谱关系有一定出入。齐319,按照其系谱来源应与X178、齐318、P138等分至PB群,但聚类分析却将其分入旅大红骨群,该结果与王兵伟等的实验结果相似^[15]。在主坐标分析中齐319与X178、沈137十分接近,证明齐319可分类至PB群。刘志斋等实验数据表明,E28与旅大红骨类群相似度为0.936,黄C与旅大红骨类群相似度为0.706。李杰文等认为,黄C属于Reid类群^[16]。叶守燕等认为,E28可归类为Reid类群。本实验的聚类分析中E28和黄C未能明确地划分到5大类群。根据主坐标分析结果显示,E28和黄C与旅大红骨群可能有相似的遗传基础。导致这些现象的原因可能是自交系本身亲缘关系相近并且计算遗传相似系数和聚类分析时所使用的方法和软件有差异,也可能与材料变异丰富、基因突变、实验的供试自交系和引物有所不同等因素有关^[17]。

从整体分析结果看,聚类分析和主坐标分析结果基本一致,并且与系谱来源基本吻合,将两种方法所得出的结果同时考虑,可更准确地进行亲缘关系分析及杂种优势类群划分,有利于后续田间的育种工作。

参考文献:

- [1] 陈 艳,吕秉儒,王路勇,等. 基于SSR标记的玉米自交系遗传多样性分析[J]. 作物研究, 2021, 35(5): 538-543.
CHEN Y, LÜ B R, WANG L Y, et al. Genetic diversity analysis of maize inbred lines based on SSR markers[J]. Crop Research, 2021, 35(5): 538-543. (in Chinese)
- [2] 田红丽,赵紫薇,杨 扬,等. 290个吉林省审定玉米品种SSR-DNA指纹构建及遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2022, 48(12): 2994-3003.
TIAN H L, ZHAO Z W, YANG Y, et al. Construction of SSR-DNA fingerprints and genetic diversity analysis of 290 maize varieties approved in Jilin province[J]. Acta Agronomica Sinica, 2022, 48(12): 2994-3003. (in Chinese)
- [3] 杜 青,郑加兴,吕巨智,等. 利用SSR标记划分广西骨干玉米自交系的杂种优势群[J]. 玉米科学, 2017, 25(6): 21-27.
DU Q, ZHENG J X, LÜ J Z, et al. Analysis heterotic groups of elite maize inbred lines in Guangxi by SSR makers[J]. Journal of Maize Sciences, 2017, 25(6): 21-27. (in Chinese)
- [4] 张 鹏,管俊娇,黄清梅,等. 42份云南玉米自交系基于SSR荧光标记的遗传多样性分析[J]. 江西农业学报, 2019, 31(10): 29-33.
ZHANG P, GUAN J J, HUANG Q M, et al. Analysis of genetic diversity of 42 maize inbred lines from Yunnan by fluorescent labeled SSR marker[J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2019, 31(10): 29-33. (in Chinese)
- [5] 战 超,陈国双,邵庆春,等. 基于SSR标记的玉米自交系聚类及同源性分析[J]. 玉米科学, 2021, 29(1): 54-60.
ZHAN C, CHEN G S, HAO Q C, et al. Clustering and homology analysis of maize inbred lines using SSR marks[J]. Journal of Maize Sciences, 2021, 29(1): 54-60. (in Chinese)
- [6] 王风格,田红丽,赵久然,等. 中国328个玉米品种(组合)SSR标记遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2014, 47(5): 856-864.
WANG F G, TIAN H L, ZHAO J R, et al. Genetic diversity analysis of 328 maize varieties(Hybridized Combinations) using SSR markers [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2014, 47(5): 856-864. (in Chinese)
- [7] 王风格,杨 扬,易红梅,等. 中国玉米审定品种标准SSR指纹库的构建[J]. 中国农业科学, 2017, 50(1): 1-14.
WANG F G, YANG Y, YI H M, et al. Construction of an SSR-Based standard fingerprint database for corn variety authorized in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2017, 50(1): 1-14. (in Chinese)
- [8] 李 锐,尚 霄,尚春树,等. 基于SSR标记的山西玉米自交系的核心种质构建[J]. 种子, 2021, 40(9): 72-76.
LI R, SHANG X, SHANG C S, et al. Core germplasm construction of Shanxi maize inbred line based on SSR markers[J]. Seed, 2021, 40(9): 72-76. (in Chinese)
- [9] 刘文国,张志军,赵万庆,等. 基于SSR荧光标记的吉单系列玉米品种遗传分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2016, 44(10): 25-36, 44.
LIU W G, ZHANG Z J, ZHAO W Q, et al. Genetic analysis of Jidan maize varieties using fluorescent SSR markers[J]. Journal of Northwest A&F University(Social Science Edition), 2016, 44(10): 25-36, 44. (in Chinese)
- [10] 李新海,袁力行,李晓辉,等. 利用SSR标记划分70份我国玉米自交系的杂种优势群[J]. 中国农业科学, 2003(6): 622-627.
LI X H, YUAN L X, LI X H, et al. Heterotic grouping of 70 maize inbred lines by SSR markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2003(6): 622-627. (in Chinese)
- [11] 刘志斋,吴 迅,刘海利,等. 基于40个核心SSR标记揭示的820份中国玉米重要自交系的遗传多样性与群体结构[J]. 中国农业科学, 2012, 45(11): 2107-2138.
LIU Z Z, WU X, LIU H L, et al. Genetic diversity and population structure of important Chinese maize inbred lines revealed by 40 core simple sequence repeats(SSRs)[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2012, 45(11): 2107-2138. (in Chinese)
- [12] LIU K J, MUSE S V. Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis[J]. Bioinformatics, 2005, 21(9): 2128-2129.
- [13] 陈志坚. 87份糯玉米自交系的遗传多样性分析[J]. 种子, 2021, 40(6): 70-75, 2.
CHEN Z J. Genetic diversity analysis of 87 inbred lines of waxy maize[J]. Seed, 2021, 40(6): 70-75, 2. (in Chinese)
- [14] WANG F G, ZHAO J R, DAI J R, et al. Selection and development of representative simple sequence repeat primers and multiplex SSR sets for high throughput automated genotyping in maize[J]. Chinese Science Bulletin, 2007(2): 215-223.
- [15] 王兵伟,覃嘉明,黄安霞,等. SSR分子标记分析60份玉米自交系的遗传多样性[J]. 西南农业学报, 2014, 27(4): 1358-1362.
WANG B W, QIN J M, HUANG A X, et al. Analysis of genetic diversity by SSR molecular markers for 60 maize inbred lines[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2014, 27(4): 1358-1362. (in Chinese)
- [16] 李杰文,程 文,赵苏娟,等. 1985-2019年山东省玉米品种的演变与遗传组成分析[J]. 山东农业科学, 2022, 54(3): 9-14.
LI J W, CHENG W, ZHAO S X, et al. Evolution and genetic composition of maize varieties in Shandong province from 1985 to 2019 [J]. Shandong Agricultural Sciences, 2022, 54(3): 9-14. (in Chinese)
- [17] 刘兴二,焦仁海,仲 义,等. 玉米自交系吉 V022 的选育和应用研究[J]. 东北农业科学, 2023, 48(6): 27-30.
LIU X E, JIAO R H, ZHONG Y, et al. Breeding and application of maize inbred line JiV022[J]. Journal of Northeast Agricultural Sciences, 2023, 48(6): 27-30. (in Chinese)

(责任编辑:朴红梅)